DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.170321

曹燕威, 许红星, 李秀全, 安调过. 小麦农家品种'红蚰子'苗期白粉病抗性鉴定和遗传分析[J]. 中国生态农业学报, 2017, 10.13930/j.cnki.cjea.170321
Cao Y W, Xu H X, Li X Q, An D G. Identification and genetic analysis of powdery mildew resistance at seedling stage in 'Hongyouzi' Chinese wheat landrace[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2017, 10.13930/j.cnki.cjea.170321

小麦农家品种'红蚰子'苗期白粉病抗性鉴定和遗传分析*

曹燕威[1,3], 许红星[1**], 李秀全[2], 安调过[1]

(1. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心　石家庄　050022; 2. 中国农业科学院作物科学研究所　北京　100081; 3. 中国科学院大学　北京　100049)

摘　要: 白粉病是小麦的重要病害之一, 优异抗病种质的鉴定和利用是控制该病害的有效措施。当前, 我国小麦生产中的多数栽培品种和品系对白粉病表现为感病, 可利用的优异抗性基因为数不多, 因此, 很有必要发掘新的有效抗源和抗性基因。我国小麦农家品种'红蚰子'(京 2350)苗期对国内 38 个小麦白粉病原菌菌株中的 34 个表现为高抗至免疫, 且成株期对石家庄地区的田间混合白粉病原菌表现为免疫或近免疫。为了进一步研究'红蚰子'抗白粉病遗传特点, 发掘并利用其中的优异抗白粉病基因, 本研究利用白粉菌 E09 菌株, 分别对'红蚰子'与感病亲本'铭贤 169'和'辉县红'组合各自的 F_1、F_2 后代植株和 $F_{2:3}$ 株系, 进行苗期抗性鉴定和抗性遗传分析。结果表明, '红蚰子'与'铭贤 169'和'辉县红'组合的所有 F_1 均感病, 各自 F_2 后代植株中抗病植株与感病植株的比例均符合 1∶3 分离比, 且各自 $F_{2:3}$ 株系中纯合抗病株系∶杂合株系∶纯合感病株系的比例均符合 1∶2∶1 的比例。因此, '红蚰子'对 E09 菌株的抗性由 1 对隐性基因控制, 暂时命名为 *PmHYZ*。'红蚰子'是我国农家品种中优异的白粉病抗源, 研究并发掘其中的抗性基因, 将为其在抗病育种中的有效利用奠定基础。

关键词: 小麦; 白粉病; 农家品种; 红蚰子; 遗传分析
中图分类号: S332.2　　**文献标识码:** A

Identification and genetic analysis of powdery mildew resistance at seedling stage in 'Hongyouzi' Chinese wheat landrace*

CAO Yanwei[1,3], XU Hongxing[1**], LI Xiuquan[2], AN Diaoguo[1]

(1. Center for Agricultural Resources Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Shijiazhuang 050022, China; 2. Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: Powdery mildew, caused by *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (*Bgt*), is a devastating foliar disease of wheat. The identification and utilization of elite resistant germplasm is an effective control measure of the disease. At present, most wheat cultivars/lines in China's wheat production are susceptible to powdery mildew. Moreover, few powdery mildew resistance genes are used in China. Therefore, it is essential to identify more effective and elite resistance sources and genes. The 'Hongyouzi' Chinese wheat landrace ('Jing 2350') has shown immune to high resistant of 34 out of 38 *Bgt* isolates at seedling stage and immune or nearly immune in the field to a composites of *Bgt* isolates at mature stage in Shijiazhuang, China. To further study the resistance feature and identify the resistance gene(s) of 'Hongyouzi', genetic analysis of F_1 plants, F_2 populations and their derived $F_{2:3}$ families respectively from crosses of 'Huixianhong' ×'Hongyouzi' and 'Hongyouzi' ×'Mingxian169' were conducted at seedling stage. The results showed that all F_1 plants derived from the combinations of 'Huixianhong'×'Hongyouzi' and 'Hongyouzi'×'Mingxian169' were susceptible to *Bgt* isolate E09. The ratios of resistant F_2 plants to susceptible plants conformed as 1∶3 and those of homozygous resistant $F_{2:3}$ lines∶heterozygous lines∶homozygous susceptible lines conformed as 1∶2∶1. These results indicated that the resistance of 'Hongyouzi' to *Bgt* isolate E09 was conferred by a single recessive resistance gene, temporarily named *PmHYZ*. 'Hongyouzi' was the elite powdery mildew resistance sources of Chinese wheat landraces, thus it was useful to effectively use elite resistance source and resistance gene in breeding resistant crops.

* 河北省自然科学基金(C2016503016)项目资助
**通讯作者: 许红星, 主要从事小麦抗性基因发掘与利用。E-mail: hongxingxu@sjziam.ac.cn
曹燕威, 主要研究方向小麦新基因的发掘。E-mail:yanwei_2014@163.com
收稿日期: 2017-04-15　接受日期: 2017-06-23
* This study was supported by Hebei Provincial Natural Science Foundation (C2016503016).
**Corresponding author XU Hongxing, E-mail: hongxingxu@sjziam.ac.cn
Received Apr. 14, 2017; accepted Jun. 23, 2017

Keywords: Wheat; Powdery mildew; Wheat landrace; Hongyouzi; Genetic analysis

小麦(*Triticum aestivum*)是我国最主要的粮食作物之一，其产量关系到我国的粮食安全。由布氏白粉病菌(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, *Bgt*)引起的小麦白粉病是小麦的重要病害，是影响小麦生产的3大主要病害之一。鉴定和利用优异的抗病种质依然是防治该病害最为经济、有效且环保的措施[1]。由于白粉菌毒性和寄主抗性之间的协同进化，生产上大规模应用的抗病基因通常会逐渐降低或丧失抗性[2]。因此，小麦育种工作者仍需长期致力于有效的、广谱的抗白粉病新种质或新基因的发掘和利用[3]。

迄今为止，国内外已经在 53 个位点(*Pm1~Pm58*, *Pm8* 与 *Pm17* 等位，*Pm18=Pm1c*, *Pm22=Pm1e*, *Pm2=Pm4c*, *Pm31=Pm21*)正式命名了70多个小麦抗白粉病基因[4-7]。除此之外，还报道了20多个暂时命名的抗白粉病基因。这些基因分布在小麦所有染色体上[8]。从来源上看，它们分别来自普通小麦、小麦近缘种和远缘种。目前在我国小麦农家品种中已经鉴定出了至少 8 个抗白粉病基因，包括 *Pm2c*[7]、*PmX*[9]、*Pm5e*[10]、*mlxbd*[11]、*Pm24a*[12]、*Pm24b*[13]、*Pm45*[14]和 *Pm47*[2]，分别来自我国的小麦农家品种‘鸟麦’、‘小红皮’、‘复壮 30’、‘小白冬麦’、‘齿牙糙’、‘白葫芦’、‘D57’和‘红洋辣子’。到目前为止，这些基因仍然对白粉病原菌保持有很好的抗性。因此，农家品种是小麦白粉病抗源的重要基因来源之一，也是进行小麦品种抗白粉病遗传改良的重要抗病种质资源[15]。

我国小麦农家品种‘红蚰子’(京2350)引自国家种质库，来源于河南南阳市淅川县，对石家庄地区的田间混合白粉病原菌表现免疫或近免疫，前期通过白粉病抗性鉴定和筛选，发现‘红蚰子’是一个很好的白粉病抗源材料。本研究利用国内不同地区、不同毒性的38个菌株对其进行多菌株苗期抗性鉴定，并利用E09菌株对其与感病亲本‘辉县红’和‘铭贤169’的分离群体进行苗期抗性鉴定和遗传分析，阐明其抗白粉病的遗传特点。

1 材料与方法

1.1 植物材料

供试小麦农家品种‘红蚰子’(京 2350)来自国家种质资源库，由前期白粉病抗性鉴定筛选而来；感病亲本‘辉县红’和‘铭贤 169’以及抗白粉病基因供体材料(共 38 个菌株，分别为 E03、E05、E06、E09、E11、E13、E16、E17、E18、E21、E22、E23-1、E23-2、E26、E30-2、E31、E32、E49、E50、B13、B14、B41、B15、B16、B17、B42、B43、B44、B45、B46、B47、B48、B49、B54、B55、B56、B57、B58)均保存于中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心小麦种质创新实验室。

1.2 苗期抗性鉴定

将用于苗期抗性鉴定的小麦材料播种于72孔(4 cm×4 cm)的穴盘中，每孔种植6~8粒种子；每个穴盘随机种植‘铭贤169’作为感病对照。用于抗性遗传分析的F_1、F_2和$F_{2:3}$后代材料，除随机设置‘铭贤169’作为感病对照外，每个穴盘均设置抗病亲本和感病亲本对照；F_1和F_2后代材料每孔均种植1粒种子，便于鉴定后移苗；每个$F_{2:3}$株系种植5孔，每孔种植6~8粒种子，共种植30~40粒种子。所有小麦材料播种后置于可控温度、湿度和光照的温室条件下培养，待接种麦苗第一片叶子完全展开时，利用白粉病菌进行充分接种。接种后的麦苗置于18 ℃黑暗条件下保湿培养24 h之后，放在可控温室中培养，期间每天光照14 h、白天温度为22 ℃、夜间温度为18 ℃、相对湿度为80%~90%。以‘铭贤169’作为感病对照，接种约8~10 d后，待‘铭贤169’充分发病，调查记载发病情况。抗病性调查采用盛宝钦[16]提出的6级分类方法进行，反应型(Infection type, IT) 0型为免疫, 0;型为近免疫, 1~4型分别为高抗、中抗、中感和高感。

1.3 统计分析

根据调查记载的情况，计算杂交 F_2 代群体的抗病单株与感病单株的比值，并利用 $F_{2:3}$ 家系验证推导 F_2 单株的基因型，经卡方测验分析分离群体的符合度。参照何家泌[17]小麦抗病基因分离理论模式，结合 F_1 植株的抗病性、F_2 群体的抗感单株分离比例，对鉴定结果进行分析。

2 结果与分析

2.1 红蚰子的抗性鉴定

在苗期，利用 38 个单孢分离的且不同毒性的小麦白粉病菌株对‘红蚰子’进行抗性鉴定，结果表明，‘红蚰子’对 E11、E13、E16、E23-1、E23-2、E30-2、E32、B41、B42、B44 和 B54、B55、B56、B57、B58 共 15 个菌株表现免疫(IT=0，反应型为 0 型)，对 E03、E05、E09、E17、E18、E21、E22、E26、E50、B13、B15、B16、B17、B43 和 B49 共 15 个菌株表现近免疫(T=0;，反应型为 0;型)，对 E31、B14、B45 和 B48 共 4 个菌株表现为高抗(IT=1，反应型为 1 型)，而对 E06、E49、B46 和 B47 共 4 个菌株表现为高感(IT=4，反应型为 4 型)，图 1 显示了‘红蚰子’对部分白粉菌菌株的苗期反应。‘辉县红’和‘铭贤 169’作为感病对照，均

对所有 38 个供试菌株表现为高感。

在成株期，利用石家庄地区的田间混合白粉病原菌进行接种，结果表明，‘红蚰子’对混合病原菌表现为免疫或近免疫。

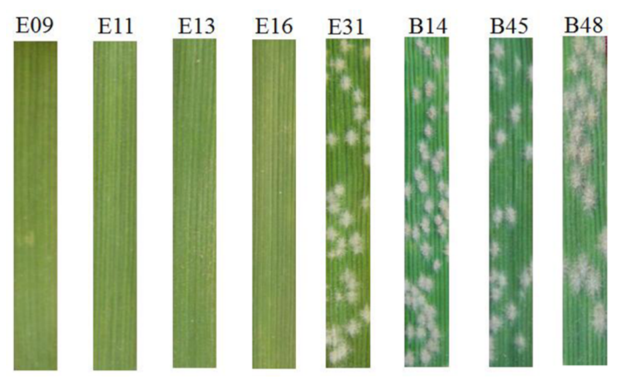


图 1　小麦品种‘红蚰子’对部分白粉菌菌株的苗期反应

Fig. 1 Reaction of wheat variety‘Hongyouzi’ to some powdery mildew isolates at the seedling stage

2.2　‘红蚰子’的抗性遗传分析

‘红蚰子’对白粉病 E09 菌株的反应型为 0;型，感病亲本‘辉县红’和‘铭贤 169’对 E09 的反应型均为 4 型，‘红蚰子’与‘辉县红’和‘铭贤 169’的 F_1 代植株也对 E09 的反应型均为 4 型，表明‘红蚰子’对 E09 的抗性由隐性基因控制。在 234 株‘辉县红’×‘红蚰子’组合构成的 F_2 分离群体中，有 57 株表现抗病，反应型为 0 型的有 18 株、反应型为 1 型的有 13 株、反应型为 2 型的有 16 株；177 株表现感病，反应型为 3 型的有 21 株、反应型为 4 型的有 156 株，抗感分离比符合 1∶3(χ^2=0.023, P=0.88，表 1)。对 291 个‘辉县红’×‘红蚰子’组合的 $F_{2:3}$ 株系，每个株系鉴定至少 24 个单株，结果表明，有 54 个纯合抗病株系，98 个杂合分离株系，39 个纯合感病株系，纯合抗病∶杂合∶纯合感病的比例符合 1∶2∶1 的分离比(χ^2=2.49, P=0.29，表 1)。

同样，在 156 株‘红蚰子’×‘铭贤 169’组合构成的 F_2 分离群体中，有 42 株表现抗病，114 株表现感病，抗感分离比也符合 1∶3(χ^2=0.21，P=0.88，表 1)。而对 257 个‘红蚰子’×‘铭贤 169’组合的 $F_{2:3}$ 株系，有 67 个纯合抗病株系，121 个杂合分离株系，69 个纯合感病株系，纯合抗病∶杂合∶纯合感病的比例也符合 1∶2∶1 的分离比(χ^2=1.10, P=0.58，表 1)。因此，综合遗传分析结果表明，‘红蚰子’对 E09 的抗性由 1 对隐性基因控制，暂时命名为 *PmHYZ*。

表 1　小麦品种‘红蚰子’对白粉病 E09 菌株的抗性遗传分析

Table 1　Resistance inheritance analyses of wheat variety ‘Hongyouzi’ to powdery mildew isolate E09

亲本组合 Parental combination	F_1	F_2 群体 F2 population			$F_{2:3}$ 株系 $F_{2:3}$ line		
		R∶S	$\chi^2_{1:3}$	P	RR∶Rr∶rr	$\chi^2_{1:2:1}$	P
辉县红×红蚰子 Huixianghong · Hongyouzi	S	57∶177	0.023	0.88	54∶98∶39	2.49	0.29
红蚰子×铭贤 169 Hongyouzi × Minxian 169	S	42∶114	0.21	0.64	67∶121∶69	1.10	0.58

2.3　*PmHYZ* 与部分已知隐性抗性基因的抗谱比较

为了区分 *PmHYZ* 这个隐性抗性基因与部分已报道的隐性抗性基因，利用前面提到的 38 个白粉菌菌株对 4 个已知基因的载体品种‘CI14125’、‘Aquila’、‘复壮 30’和‘小白冬麦’进行了苗期抗性鉴定和抗谱比较。结果表明，*Pm5a* 的供体材料‘CI14125’对所有供试的 38 个菌株均表现感病；*Pm5b* 的供体材料‘Aquila’仅对 38 个菌株中的 5 个(E30-2、E43、E50、B15 和 B41)表现抗病；*Pm5e* 的供体材料‘复壮 30’对 5 个菌株(E43、E50、B13、B15 和 B47)表现感病，其中对 4 个菌株(E50、B13、B15 和 B47)的反应不同于 *PmHYZ*；*mlxbd* 的供体材料‘小白冬麦’对仅对 38 个菌株中的 3 个(E43、B15 和 B47)表现为感病。因此，*PmHYZ* 基因与 *Pm5a*、*Pm5b*、*Pm5e* 和 *mlxbd* 基因不同(表 2)。

表 2　红蚰子和部分抗白粉病基因供体对 38 个供试白粉菌菌株的反应

Table 2　Reaction of wheat variety　‘Hongyouzi’　and some powdery mildew resistant gene donors to 38 tested powdery mildew isolates

品种(系) Variety/line	*Pm* 基因 *Pm* gene	白粉菌菌株 Powdery mildew isolate																		
		E03	E09	E18	E22	E26	B14	B13	B15	B17	E05	E06	E11	E13	E16	E17	E21	E23-1	E23-2	E26

辉县红 Huixianhong	—	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
铭贤 169 Mingxian 169	—	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
红蚰子 Hongyouzi	*PmHYZ*	0;	0;	0;	0;	0;	1	0;	0;	0;	0;	4	0	0	0	0;	0;	0	0	0;
CI14125	*Pm5a*	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
Aquila	*Pm5b*	4	4	4	4	4	4	4	2	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
复壮 30 Fuzhuang 30	*Pm5e*	0;	0;	0;	0;	0;	0;	4	3	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0	0;	0;
小白冬麦 Xiaobaidongmai	*mlxbd*	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	3	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;

品种(系)	*Pm* 基因	白粉菌菌株 Powdery mildew isolate																		
Variety/line	*Pm gene*	E30-2	E31	E32	E43	E50	B41	B42	B43	B44	B45	B46	B47	B48	B49	B54	B55	B56	B57	B58
辉县红 Huixianhong	—	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
铭贤 169 Mingxian 169	—	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
红蚰子 Hongyouzi	*PmHYZ*	0	1	0	4	0;	0	0	0;	0	1	4	4	1	0;	0	0	0	0	0
CI14125	*Pm5a*	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
Aquila	*Pm5b*	2	4	4	0;	0	0;	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
复壮 30 Fuzhuang 30	*Pm5e*	0	0;	0;	4	4	0;	0;	0;	0;	0;	0;	3	0;	0;	0;	0;	0	0;	0;
小白冬麦 Xiaobaidongmai	*mlxbd*	1	0;	0;	4	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	4	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;

3 讨论

我国小麦农家品种‘红蚰子’是一个广谱的、优异的小麦白粉病抗源，对供试的38个小麦白粉病菌株中的34个表现免疫到高抗。初步的遗传分析表明，‘红蚰子’中携带单个隐性抗白粉病基因。进一步对该基因进行分子标记定位，并开发育种可用的连锁标记，将有助于该基因更好地应用于小麦抗病育种中。

农家品种具有丰富的遗传变异，且具有很好的抗逆性和广适性，是拓宽小麦栽培品种遗传基础和进行品种遗传改良的重要基因源[18]。我国小麦农家品种资源非常丰富，有不少报道通过抗性遗传分析发掘其中的抗性基因。代君丽等[19]和王建超等[20]分别对农家品种‘大籽糙’和‘小红芒’的抗病性遗传分析表明这两个品种均含有 1 对隐性抗条锈基因；翟雯雯等[21]对‘蚂蚱麦’、‘小白冬麦’、‘游白兰’、‘红卷芒’的抗白粉病遗传分析发现 4 个农家品种中均含有 1 对隐性抗白粉病基因。迄今为止，在我国农家品种中也已经陆续报道了多个小麦抗白粉病基因，如 *Pm2c*[7]、*PmX*[9]、*Pm5e*[10]、*mlxbd*[11]、*Pm24a*[12]、*Pm24b*[13]、*Pm45*[14]和 *Pm47*[2]。本研究通过多菌株抗谱鉴定和抗性遗传分析，在我国小麦农家品种发现了一个优异的白粉病抗源‘红蚰子’，并确定‘红蚰子’携带 1 对隐性抗白粉病基因，不仅丰富了我国小麦农家品种的抗白粉病基因源，还为该基因的进一步研究和利用奠定了基础。

目前已经报道的小麦抗白粉病基因中，多数为显性遗传，少数表现为隐性遗传，包括 *Pm5a-5e*、*Pm9*、*Pm26*、*Pm42*、*Pm47*、*mlxbd* 和 *pm2026* 等[22-23]。本研究中所发现的小麦农家品种‘红蚰子’也携带隐性抗性基因。*Pm5a* 和 *Pm9* 在国内已经基本失去抗性[24]，*Pm5b* 的载体品种‘Kormoran’对白粉菌 E09 菌株表现感病[25]，*Pm5e* 的载体品种‘复壮 30’对白粉病 E18、E23 菌株也表现感病，然而本研究中的‘红蚰子’对白粉菌菌株 E09 表现抗病。本研究还区分了‘红蚰子’中抗性基因 *PmHYZ* 与已知抗性基因。因此‘红蚰子’所携带的白粉病抗性基因不同于 *Pm5a*、*Pm5b*、*Pm5e* 和 *mlxbd*。此外，*Pm26*[22]和 *Pm42*[26]均来源于野生二粒小麦，*pm2026* 来自一粒小麦，而‘红蚰子’中的抗性基因自于农家品种，推测可能不同于 *Pm26*、*Pm42* 和 *pm2026*。至于 *Pm47*、*Pm5c* 和 *Pm5d*，暂时还不能与‘红蚰子’中的抗性基因区分。然而，要真正区分‘红蚰子’中的抗性基因与已报道的这些抗性基因，还需要利用分子标记定位其中的抗性基因，以及更系统的抗谱区分和等位性测试等。

致谢 感谢中国农业科学院的周益林和李洪杰老师提供白粉病的菌种，感谢所有对本研究提供帮助的老师和同学。

参考文献 References

[1] Wang Z Z, Li H W, Zhang D Y, et al. Genetic and physical mapping of powdery mildew resistance gene *MlHLT* in Chinese wheat landrace Hulutou[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(2): 365–373

[2] Xiao M G, Song F J, Jiao J F, et al. Identification of the gene *Pm47* on chromosome 7BS conferring resistance to powdery mildew in the Chinese wheat landrace Hongyanglazi[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126(5): 1397–1403

[3] 何中虎, 兰彩霞, 陈新民, 等. 小麦条锈病和白粉病成株抗性研究进展与展望[J]. 中国农业科学, 2011, 44(11): 2193–2215

He Z H, Lan C X, Chen X M, et al. Progress and perspective in research of adult-plant resistance to stripe rust and powdery mildew in wheat[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2011, 44(11): 2193–2215

[4] Petersen S, Lyerly J H, Worthington M L, et al. Mapping of powdery mildew resistance gene *Pm53* introgressed from *Aegilops speltoides* into soft red winter wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(2): 303–312

[5] Zhang R Q, Sun B X, Chen J, et al. *Pm55*, a developmental-stage and tissue-specific powdery mildew resistance gene introgressed from *Dasypyrum villosum* into common wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2016, 129(10): 1975–1984

[6] Li H H, Jiang B, Wang J C, et al. Mapping of novel powdery mildew resistance gene(s) from *Agropyron cristatum* chromosome 2P[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2017, 130(1): 109–121

[7] Xu H X, Yi Y J, Ma P T, et al. Molecular tagging of a new broad-spectrum powdery mildew resistance allele *Pm2c* in Chinese wheat landrace Niaomai[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(10): 2077–2084

[8] McIntosh R A, Dubcovsky J, Rogers W J, et al. Catalogue of gene symbols for wheat: 2017 supplement[EB/OL]. https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/supplement2017.pdf.

[9] Fu B S, Chen Y, Li N, et al. *pmX*: A recessive powdery mildew resistance gene at the *Pm4* locus identified in wheat landrace Xiaohongpi[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126(4): 913–921

[10] Huang X Q, Wang L X, Xu M X, et al. Microsatellite mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm5e* in common wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 106(5): 858–865

[11] Huang X Q, Hsam S L K, Zeller F J. Chromosomal location of two novel genes for resistance to powdery mildew in Chinese landraces (*Triticum aestivum* L. *em*. *Thell*.)[J]. Journal of Genetics and Breeding, 2000, 54: 311–317

[12] Huang X Q, Hsam S L K, Zeller F J, et al. Molecular mapping of the wheat powdery mildew resistance gene *Pm24* and marker validation for molecular breeding[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 101(3): 407–414

[13] Xue F, Wang C Y, Li C, et al. Molecular mapping of a powdery mildew resistance gene in common wheat landrace Baihulu and its allelism with *Pm24*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 125(7): 1425–1432

[14] Ma H Q, Kong Z X, Fu B S, et al. Identification and mapping of a new powdery mildew resistance gene on chromosome 6D of common wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 123(7): 1099–1106

[15] 李洪杰, 王晓鸣, 宋凤景, 等. 中国小麦品种对白粉病的抗性反应与抗病基因检测[J]. 作物学报, 2011, 37(6): 943–954

Li H J, Wang X M, Song F J, et al. Response to powdery mildew and detection of resistance genes in wheat cultivars from China[J]. Acta Agronomica Sinica, 2011, 37(6): 943–954

[16] 盛宝钦. 用反应型记载小麦苗期白粉病[J]. 植物保护, 1988, 14(1): 49

Sheng B X. Score wheat seedlings resistance to powdery mildew by infection type[J]. Plant Protection, 1988, 14(1): 49

[17] 何家泌. 植物抗病遗传学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1994

He J B. Plant Disease Resistance Genetics[M]. Beijing: China Agriculture Press, 1994

[18] 曹亚萍. 小麦的起源、进化与中国小麦遗传资源[J]. 小麦研究, 2008, 29(3): 1–10

Cao Y P. Origin, evolution and genetic resources of wheat in China[J]. Journal of Wheat Research, 2008, 29(3): 1–10

[19] 代君丽, 牛永春. 小麦农家品种大籽糙抗条锈性的遗传分析[J]. 遗传, 2003, 25(3): 311–313

Dai J L, Niu Y C. Inheritance of stripe rust resistance in the native wheat variety dazicao from China[J]. Hereditas, 2003, 25(3): 311–313

[20] 王建超, 冯晶, 王凤涛, 等. 我国小麦农家品种‘小红芒’成株抗条锈性遗传分析[J]. 植物保护, 2015, 41(1): 154–157

Wang J C, Feng J, Wang F T, et al. Genetic analysis on the adult plant resistance of a wheat landrace ‘Xiaohongmang’ to *Puccinian striiformis*[J]. Plant Protection, 2015, 41(1): 154–157

[21] 翟雯雯, 段霞瑜, 周益林, 等. 我国小麦地方品种蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、红卷芒抗白粉病性遗传分析[J]. 植物保护, 2008, 34(1): 37–40

Zhai W W, Duan X Y, Zhou Y L, et al. Inheritance of resistance to powdery mildew in four Chinese landraces[J]. Plant Protection, 2008, 34(1): 37–40

[22] Rong J K, Millet E, Manisterski J, et al. A new powdery mildew resistance gene: Introgression from wild emmer into common wheat and RFLP-based mapping[J]. Euphytica, 2000, 115(2): 121–126

[23] Xu H X, Yao G Q, Xiong L, et al. Identification and mapping of *pm2026*: A recessive powdery mildew resistance gene in an einkorn (*Triticum monococcum* L.) accession[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(4): 471–477

[24] Li G Q, Fang T L, Zhang H T, et al. Molecular identification of a new powdery mildew resistance gene *Pm41* on chromosome 3BL derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*)[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(3): 531–539

[25] Nematollahi G, Mohler V, Wenzel G, et al. Microsatellite mapping of powdery mildew resistance allele *Pm5d* from common wheat line IGV1–455[J]. Euphytica, 2008, 159(3): 307–313

[26] Hua W, Liu Z J, Zhu J, et al. Identification and genetic mapping of *pm42*, a new recessive wheat powdery mildew resistance gene derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*)[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(2): 223–230